

# Análise comparativa entre diferentes reconstruções filogenéticas de um mesmo grupo de espécies

Rodrigo Carvalho de **AZEVEDO**<sup>1</sup>; Agostinho Dirceu **DIDONET**<sup>2</sup>

Universidade Federal de Goiás – Laboratório de Fisiologia Vegetal<sup>1</sup>

Embrapa Arroz e Feijão<sup>2</sup>

1-rodriogcaz@gmail.com; 2-didonet@cnpaf.embrapa.br

Órgão Financiador: Capes

## Introdução

O processo de invasão biológica por espécies exóticas têm atraído cada vez mais a atenção de pesquisadores de diversas áreas do conhecimento em todo o mundo. A este processo são reportadas ameaças à biodiversidade (Sugiura and Yamaura 2008) e impactos sobre a estrutura e função do ecossistema (Anderson and Rosemond 2007). A diversidade de estudos sobre invasões biológicas tem gerado diversas hipóteses testáveis sobre regras de assembléia de comunidades, baseadas na Teoria do Nicho. Tais hipóteses predizem que o estabelecimento de uma espécie em uma área é função de suas habilidades competitivas frente a diferentes fatores ambientais. (Emerson & Gillespie, 2008).

Outra abordagem possível para esta questão surge a partir do crescimento recente da quantidade de informação sobre sequências gênicas, que tem permitido um refinamento cada vez maior da reconstrução filogenética de grupos (Burns & S.Y. Strauss, 2011). Esta abordagem utiliza o conceito de inércia filogenética para predizer padrões de estruturação da comunidade através da análise de sequências de genes associados à utilização de recursos como luz e água, por exemplo.

Os dois padrões decorrentes, atração e repulsão filogenética, predizem que espécies que co-ocorrem em uma comunidade são filogeneticamente próximas e distantes, respectivamente. Porém, estratégias evolutivas distintas podem ser representadas por vias bioquímicas ligeiramente distintas que suportam diferentes estratégias de ocupação do substrato mesmo quando consideradas espécies filogeneticamente próximas

O objetivo deste trabalho foi buscar discutir como eventuais diferenças entre sequências gênicas de espécies da família Poaceae poderiam significar diferentes estratégias adaptativas, inferidas a partir de suas relações filogenéticas.

## Material e Métodos

Foram selecionadas seis espécies da família Poaceae pelo critério da disponibilidade de sequências gênicas em comum dos genes de cloroplasto trnH, rbcl (subunidade maior) e NADP (enzima málica dependente): *Melinis minutiflora*, *Pennisetum glaucum*, *Urochloa brizantha*, *Megathyrsus infestus*, *Setaria itálica*, *Panicum laetum*. Sequências com origem no cloroplasto são suficientemente conservadas para serem utilizadas em reconstrução filogenética (Shaw *et al.* 2005).

As sequências foram coletadas no banco de dados NCBI (National Center for Biotechnology Information) através de busca cruzada com o algoritmo BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Inicialmente, e para cada um dos três genes escolhidos, foi aplicado o BLAST para a espécie *Melinis minutiflora*. Em seguida, foram escolhidas as espécies que apresentaram a disponibilidade em comum para a sequência do gene em questão. Para que fosse possível a comparação entre as espécies e entre os genes, as mesmas espécies deveriam estar disponíveis com os três genes. Quando este critério não pôde ser obedecido foi escolhida outra espécie do mesmo gênero.

Posteriormente foram montados três arquivos de saída (com extensão .fasta) com as sequências gênicas de cada uma das cinco espécies, para cada gene. Para a construção dos cladogramas, as sequências foram alinhadas com o programa ClustalX (vs. 2.0.12) e editadas com o programa BioEdit (vs. 7.0.5.3), para retirada dos gaps.

A seguir, as árvores filogenéticas foram construídas com o programa ClustalX (vs. 2.0.12), com utilização da Distância de Neighbor-Joining, e, através do programa Tree View (vs.1.6.6), as árvores foram visualizadas e padronizado o grupo externo como *Melinis minutiflora*.

## Resultados

Não foi encontrado um padrão comum às reconstruções filogenéticas realizadas para cada um dos genes. Entre elas apenas houve maior proximidade entre as espécies *M. maximus* e *U. mutica* para rbcl(Fig.2) e ndhF(Fig.1), embora as duas ocorrências destas espécies como grupo irmão tenham ocorrido em posições diferentes em relação às outras espécies. *Megathyrsus* sp e *P. glaucum* distanciaram-se em rbcl(Fig.2) e ndhF(Fig.1), porém não em trnH(Fig.3). *Urochloa* sp aparece como gênero basal em rbcl(Fig.2) e trnH(Fig.3) e derivado em ndhF(Fig.1). *S. itálica* aparece como espécie derivada em rbcl(Fig.2) e trnH(Fig.3) e basal em ndhF(Fig.1). *P. laetum* encontra-se em

posição mais estável nas três reconstruções realizadas, indo de espécie em posição intermediária em *rbcl*(Fig.2) e *ndhF*(Fig.1) e a mais derivada em *trnH*(Fig.3). *P. glaucum* também variou entre uma posição intermediária, em *ndhF*(Fig.1) e *trnH*(Fig.3) e uma posição derivada em *rbcl*(Fig.2).

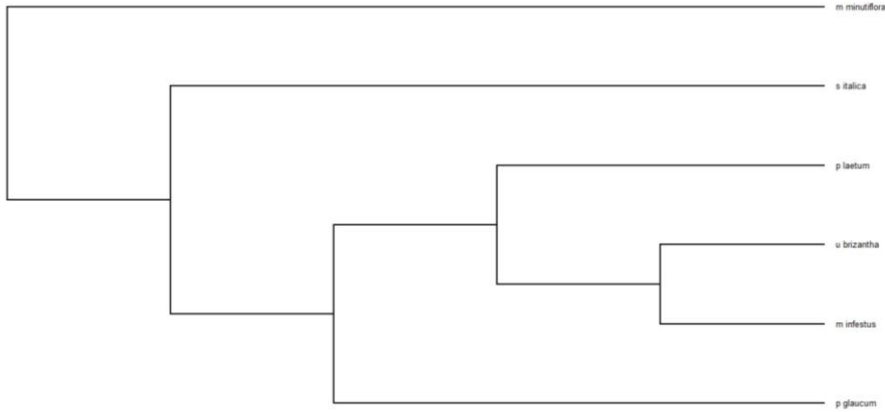


Figura 1: Árvore Filogenética construída para cinco espécies a partir de sequências gênicas de *ndhF*.

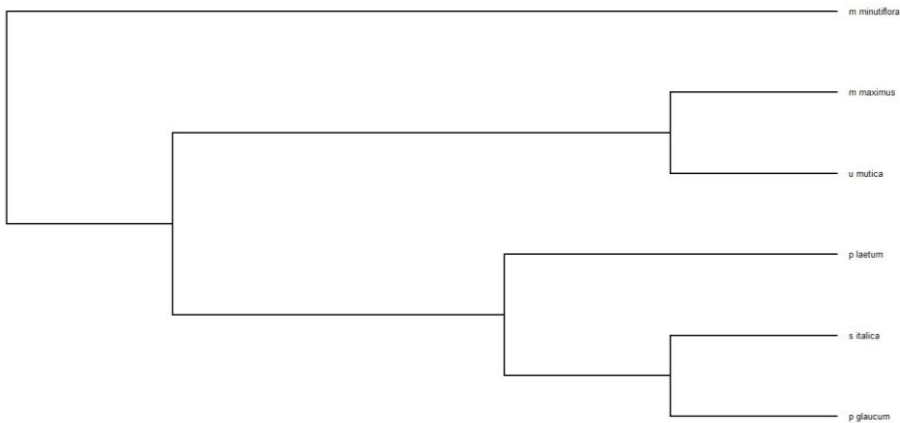


Figura 2: Árvore Filogenética construída para cinco espécies a partir de sequências gênicas de *rbcl*.

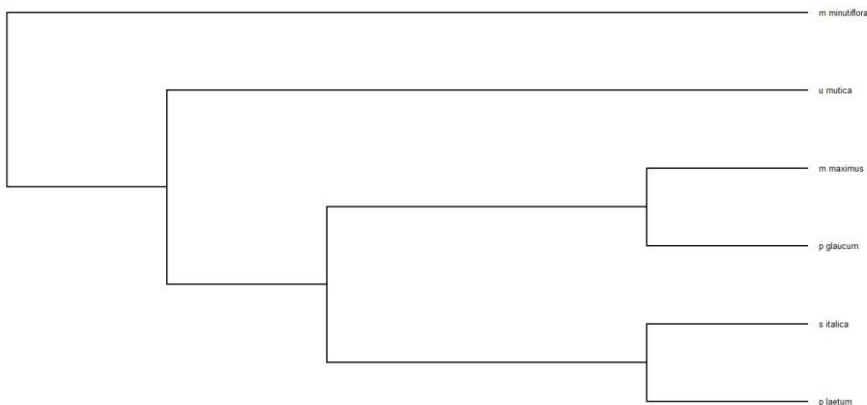


Figura 3: Árvore Filogenética construída para cinco espécies a partir de sequências gênicas de trnh.

### Discussão

As diferenças encontradas entre as reconstruções filogenéticas sugerem padrões contrastantes de ocupação do nicho verificados para cada gene específico. Os agrupamentos verificados se aproximam do predito pela hipótese de que os genes utilizados em uma ampla reconstrução das relações evolutivas entre organismos expressam estratégias evolutivas que podem ser convergentes ou não, dependendo de sua função e das características ambientais (p.ex.) em que se encontram esses organismos.

De fato, é razoável supor que a variação ambiental sazonal (p.ex.), que incide sobre a seleção de genes cada vez mais eficientes, leve a padrões temporalmente contrastantes entre o predito pelas Hipóteses da Repulsão e Atração Filogenética. Esses resultados sugerem uma possibilidade de ampliação na abordagem dos estudos sobre estrutura de comunidades e dinâmica populacional. Trabalhos que têm testado predições de ambas as hipóteses tem encontrado resultados contrastantes sob uma abordagem temporalmente pontual (Daehler, 2001).

O contraste encontrado entre as reconstruções filogenéticas pode ser um componente importante para predições sobre estruturação de comunidades, ou mesmo, sobre invasibilidade de uma espécie exótica. Se este caminho for aprofundado com a utilização de espécies e sequências gênicas ainda mais diversas (e outros preditores como sequências de mRNA e/ou proteínas de vias bioquímicas importantes), poderão ser testadas predições ainda mais acuradas sobre o impacto das mudanças climáticas sobre qualquer comunidade de organismos.

## Conclusões

Os contrastes encontrados entre as reconstruções filogenéticas podem sugerir diferentes estratégias adaptativas para cada gene para um mesmo conjunto de espécies, o que reforça a importância de se avaliar as previsões das Hipóteses de Atração e Repulsão Filogenética em uma janela temporal mais abrangente.

## Referências Bibliográficas

- Anderson, Christopher B, and Amy D Rosemond. 2007. "Ecosystem engineering by invasive exotic beavers reduces in-stream diversity and enhances ecosystem function in Cape Horn, Chile." *Oecologia* 154:141-53. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17587063>.
- Burns, J.H., and S.Y. Strauss. 2011. "More closely related species are more ecologically similar in an experimental test." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 108:5302. <http://www.pnas.org/content/108/13/5302.short> (Accessed May 16, 2011).
- Daehler, C.C. 2001. "Darwin's naturalization hypothesis revisited." *The American Naturalist* 158:324–330. <http://www.journals.uchicago.edu/doi/abs/10.1086/321316>.
- Diez, Jeffrey M et al. 2009. "Learning from failures: testing broad taxonomic hypotheses about plant naturalization." *Ecology letters* 12:1174-83. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19723283>.
- Duncan, Richard P, and PA Williams. 2002. "Darwin's naturalization hypothesis challenged." *Nature* 417:608-609.
- Emerson, Brent C, and Rosemary G Gillespie. 2008. "Phylogenetic analysis of community assembly and structure over space and time." *Trends in ecology & evolution (Personal edition)* 23:619-30. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18823678>.
- Horner-Devine, M.C., and B.J.M. Bohannan. 2006. "Phylogenetic clustering and overdispersion in bacterial communities." *Ecology* 87:100–108. [http://www.esajournals.org/doi/abs/10.1890/0012-9658\(2006\)87%5B100:PCAOIB%5D2.0.CO%3B2](http://www.esajournals.org/doi/abs/10.1890/0012-9658(2006)87%5B100:PCAOIB%5D2.0.CO%3B2).
- Strauss, Sharon Y, Campbell O Webb, and Nicolas Salamin. 2006. "Exotic taxa less related to native species are more invasive." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 103:5841-5. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16581902>.
- Sugiura, Shinji, and Yuichi Yamaura. 2008. "Potential impacts of the invasive flatworm *Platydemus manokwari* on arboreal snails." *Biological Invasions* 11:737-742. <http://www.springerlink.com/index/10.1007/s10530-008-9287-1>.